

PROFIL PROTÉOMIQUE DE *MONILIOPHTHORA PERNICIOSA*Gomes, D.S.¹; Rosa, E.C.A.¹; Pirovani, C.P.¹; Micheli, F.^{1,2}¹UESC, DCB, Ilhéus-BA, Brésil,²Cind, UMR, AGAP, Montpellier, France**SUMMARY**

Moniliophthora perniciosa, l'agent causal de la maladie des balais de sorcières du cacaoyer (*Theobroma cacao* L.), est actuellement le plus gros problème pour les régions productrices de cacao au Brésil. Ce champignon a initialement été détecté en 1989 dans le sud de l'État de Bahia, où il a trouvé des conditions extrêmement favorables à son développement, ce qui a entraîné une réduction spectaculaire de la production cacaoyère, et par conséquent une crise économique, sociale et écologique majeure. *Moniliophthora perniciosa* a un cycle de vie hémibiotrophe, avec une phase biotrophe et une phase nécrotrophe. La phase biotrophe, qui déclenche la maladie, est caractérisée par un mycélium monocaryotique, alors que la phase nécrotrophe est caractérisée par un mycélium dicaryotique qui aboutit à la mort de la plante. Pendant la culture de *M. perniciosa* sur des cookies, six différentes phases de développement ont été observées en fonction de la couleur du mycélium ou de l'organe produit : blanc, jaune, rose, rose foncé, primordium et basidiome. Dans cette étude, nous avons identifié les protéines intervenant dans chaque étape du développement du champignon en nous concentrant sur la formation du basidiocarpe. Des protéines ont été extraites en triplicat expérimental en utilisant la méthode ADP, suivie par un simple nettoyage utilisant du SDS-dense et du phénol. La quantification a été faite en utilisant le kit de quantification 2-D. Les protéines ont été séparées en utilisant le gel SDS-PAGE bidimensionnel à 12% : un niveau élevé de reproductibilité entre les réplicats expérimentaux a été observé. Les cartes 2-D ont fait apparaître environ 300 à 550 spots par gel, et ont présenté des schémas d'expression protéique différenciés. Les gels ont été analysés en utilisant le logiciel ImageMaster 2D v.7 ; des spots différentiels ont été identifiés, découpés du gel et analysés par spectrométrie de masse. Dans l'analyse du gel en 2-D, nous avons observé un total de 684 spots correspondant aux six phases du développement du champignon. Les 684 spots ont été séparés en six catégories en fonction de leur répartition dans les différentes phases de développement du champignon. Les gels ont révélé que les protéines sont principalement concentrées dans une fourchette de points isoélectriques située entre 5,0 et 7,0 et dans une fourchette de poids moléculaire située entre 25 et 50 kDa. Les protéines spécifiquement associées à la formation du basidiocarpe pourraient être de bons candidats pour comprendre le mode de diffusion du champignon. De plus, l'analyse des protéines de toutes les phases de développement peut contribuer à la connaissance intégrée du métabolisme du champignon, et ainsi au développement éventuel de stratégies de lutte contre *M. perniciosa*. À notre connaissance, il s'agit ici de la première analyse protéomique du cycle de vie de *M. perniciosa*.

Mots-clés : SDS-PAGE bidimensionnelle, spectrométrie de masse, maladie des balais de sorcière.